

Figure 1

```

1                                                                    60
SEQ ID NO:2 -----
SEQ ID NO:4 RPFHFINQTEPLVHTHTQQPPSPAPGPASQ-GQRQGNLTLLSPTPTLAVILVNPQRAPPVLP
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 -----ARATAKALRQPCYAGIFRNIEC-GPSPAASLGFPKLRG-----INV
SEQ ID NO:10 -----TRADAGERMA-----G
SEQ ID NO:12 T-----
SEQ ID NO:13 -----MIGSVKRPVVSCVLPEFDFTTESTGLGKKSSSVKLPVNFG-----AFG
SEQ ID NO:14 -----MIAAGAKSL-----GLSMASPK-----G-----IFD

61                                                                    120
SEQ ID NO:2 SAA-----AAVAGISSSSSA-----
SEQ ID NO:4 GLTPSDAPLPALVIHGLTPRSSHSSAGLASDSGRREGEGRGARTHCHRGIGRWVRRRRRN
SEQ ID NO:6 -----
SEQ ID NO:8 TGLHCGRRGLVVLRAKSKPIRAKEN--ASVSASLID-DWFKPITAKED-----S
SEQ ID NO:10 SEA-----VPVVAVAAGKQP-----VNG-----
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:13 SGG--GEVKLGFLAPIKATEGSKTSS--FQVNGKVDNFRHLQPSDCNSN-----S
SEQ ID NO:14 SNSMSNSRSVVVRACVSMDGSQTL-----HNKNGSIPEVKSI-----

121                                                                    180
SEQ ID NO:2 -----LVTSTVGKSTNILWHECAIGQKERQGLLNQKGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:4 GAAPGEAPHSPVKEKPVMSNIGKSTNILWHNCLIGQSDRQKLLQKGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:6 -----SIVPKASNIFWHDCAVGQADRQKLLQKGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:8 NAE-DRTSSFSGKNLTQMSNVGNSTNIMWHDCPIQKQDRQQLLQQQGCVIWITGLSGSGK
SEQ ID NO:10 -----SAMAGIDKLVTSTVGKSTNVLWHDCPIGQFERQELLNQKGCVVWITGLSGSGK
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:13 DSSLNNCNGFPGKKILQTTTVGNSTNILWHKCAVEKSERQEPLQQRGCVIWTGLSGSGK
SEQ ID NO:14 -----NGHTGQKQGPLSTVGNSNLIKWHECSVEKVDRQRLDQKGCVIWVTGLSGSGK

181                                                                    240
SEQ ID NO:2 STLACALSRELHGRGHLTYVLDGDNLRHGLNRDLSFGAEDRAENIRRVGEVAKLFADAGL
SEQ ID NO:4 STLACALSRELHCRGHLTYVLDGDNLRHGLNRDLSFKAEDRAENIRRVGEVAKLFADAGV
SEQ ID NO:6 STLACTLDRELHTRGKLSYVLDGDNLRHGLNKLDFKAEDRAENIRRVGEVAKLFXDASL
SEQ ID NO:8 STIACALSQSLHSGKLSYILDGDNIRHGLNQDLSFRAEDRSNIRRVGEVAKLFADAGV
SEQ ID NO:10 STLACALSRELHSGRGLTYILDGDNLRHGLNRDLCFEAKDRAENIRRVGEVAKLFADAGL
SEQ ID NO:12 -----
SEQ ID NO:13 STLACALSRGLHAKGKLTYYILDGDNVRHGLNSDLSFKAEDRAENIRRVGEVAKLFADAGV
SEQ ID NO:14 STLACALNQMLYQKGKLCYILDGDNVRHGLNRDLSFKAEDRAENIRRVGEVAKLFADAGI

241                                                                    300
SEQ ID NO:2 VCIASLISPYRSDRSACRDLLPKHSFIEVFLDVPLQVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:4 ICIASLISPYRRDRDACRALLPHSNFIEVFIDLPLKICEARDPKGLYKLARTGKIKGFTG
SEQ ID NO:6 VCIASFKSPYKRER-----
SEQ ID NO:8 ICITSLISPYQKDRDACRALLSKGDFIEVFIDVPLHVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:10 ICIASLISPYRSERSACRKLHNSTFIEVFLNVPLEVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:12 -----RLARTGKIKGFTG
SEQ ID NO:13 ICIASLISPYRKPPDACRSLLPEGDFIEVFMDVPLKVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG
SEQ ID NO:14 ICIASLISPYRTDRDACRSLLPEGDFVEVFMDVPLSVCEARDPKGLYKLARAGKIKGFTG

```

## Figure 1 (cont'd.)

	301	344
SEQ ID NO:2	IDDPYEPPSDCEIIVIQCKVGDCPSPESMAGHVVSYLETNGFLQD	
SEQ ID NO:4	IDDPYEPPINGEIVIKMKDEECPSPKAMAKQVLCYLEENGYLQA	
SEQ ID NO:6	-----ES	
SEQ ID NO:8	IDDPYEPPCSCEIVLQQKGS DCKSPSDMAEEVISYLEENGYLRA	
SEQ ID NO:10	IDDPYEAPSDCEIIVIQCKAGDCATPKSMADQVVSYLEANEFLQE	
SEQ ID NO:12	VDDPYESPVNSEIVIKMEGGECPSPKAMAQQVLSYLEKNGYLQA	
SEQ ID NO:13	IDDPYEPLKSEIVLHQKLGMCDSPCDLADIVISYLEENGYLKA	
SEQ ID NO:14	IDDPYEPLNCEISLGREGG--TSPIEMA EKVVGYLDNKGYLQA	